

Tartu Ülikool
Ökoloogia- ja Maateaduste Instituut

**Soontaimede fülogeneetiline ja funktsionaalne
mitmekesisus looduskaitstes**

Bakalaureusetöö
Bioloogia õppekava
12 EAP

Marianne Laissaar

Juhendaja: vanemteadur Pille Gerhold

Tartu 2016

Kokkuvõte

Soontaimede fülogeneetiline ja funktsionaalne mitmekesisus looduskaitstes

Viimaste aastakümnetega on seoses molekulaarsete meetodite arengu ja erinevate andmebaaside tekkimisega kasvanud fülogeneetilise ja funktsionaalse mitmekesisuse info kättesaadavus. Seetõttu on lisaks taksonoomilisele mitmekesisusele ehk liigirikkusele hakatud uurima fülogeneetilise ja funktsionaalse mitmekesisuse tähtsustamise ja rakendamise võimalikkust looduskaitstes.

Selle töö eesmärgiks on uurida soontaimede fülogeneetilise ja funktsionaalse mitmekesisuse rolli tänapäeva looduskaitsealadel ja väljaspool looduskaitsealasid – antropogeense häiringuga kooslustes. Käesolevas referatiivses töös on kirjeldatud erinevaid uuringuid, mis hõlmasid fülogeneetilist ja/või funktsionaalset mitmekesisust. Samuti on tehtud lühike ülevaade peamistest fülogeneetilise ja funktsionaalse mitmekesisuse mõõtmise indeksitest ja nende kasutusviisidest.

Kindlalt võib väita, et fülogeneetilist mitmekesisust peaks arvestama looduskaitsealade planeerimisel, sest fülogeneetilist mitmekesisust ei saa asendada taksonoomilise mitmekesisusega. Enamikel uuritud looduskaitse all olevatel aladel ei ühildunud soontaimede fülogeneetilise ja taksonoomilise mitmekesisuse ruumiline jaotus. Antropogeense häiringuga kooslustes oli märkimisväärne erinevus häiringuga koosluste ja häiringuta koosluste fülogeneetilise ja funktsionaalse mitmekesisuse vahel. Seetõttu peaks antropogeensete häiringutega aladel pöörama suuremat tähelepanu fülogeneetilisele ja funktsionaalsele mitmekesisusele. Ühe taksoni fülogeneetilist ja funktsionaalset mitmekesisust ei saa kasutada teiste taksonite esindamiseks. Muude organismirühmade fülogeneetilise ja funktsionaalse mitmekesisuse uuringud kinnitasid fülogeneetilise, funktsionaalse ja taksonoomilise mitmekesisuse ruumilist mitte ühildumist.

Kindlasti uuritakse fülogeneetilist ja funktsionaalset mitmekesisust edasi ning mõlemas valdkonnas on tulevikus oodata kiiret edasiminekut. Kuid funktsionaalse mitmekesisuse edasine uurimine on erilise tähtsusega, sest hetkel ei ole soontaimede funktsionaalse

mitmekesisuse rollist looduskaitsealadel midagi teada. Sellegipoolest on juba selles referatiivses töös selgunud, et enamik uuringuid on jõudnud erinevate mitmekesisuse mõõdikute osas sarnasele tulemusele. Seega on juba praeguste uurimistulemuste põhjal võimalik edendada looduskaitsealade planeerimise efektiivsust.

Märksõnad: Fülogeneetiline mitmekesisus, funktsionaalne mitmekesisus, looduskaitse, ökoloogia, antropogeensed häiringud

Summary

Phylogenetic and Functional Diversity of Vascular Plants in Nature Conservation

In the last few decades increasingly more information on phylogenetic and functional diversity has become available. Therefore, phylogenetic and functional diversity, in addition to taxonomic diversity, have come into focus of nature conservation.

The goal of this thesis is to analyse the role phylogenetic and functional diversity of vascular plants in contemporary nature conservation. The thesis contains an overview of the studies that have measured phylogenetic and/or functional diversity in nature conservation areas and in the areas with anthropogenic disturbance. There is also a small overview on phylogenetic and functional diversity metrics and their application.

It can be concluded that phylogenetic diversity should be definitely included in nature conservation planning for vascular plants because taxonomic diversity cannot be used as a proxy for phylogenetic diversity. In most of the studied regions vascular plants' taxonomic and phylogenetic diversity had no spatial overlap.. Vascular plants had significantly less phylogenetic and functional diversity in the areas with anthropogenic disturbance than in the areas without anthropogenic disturbance. Therefore, phylogenetic and functional diversity should gain more attention in the areas with anthropogenic disturbance. Additionally, studying other groups of organisms one can conclude that phylogenetic and functional diversity of any taxa cannot be used as a proxy for another taxa. Similarly to vascular plants, phylogenetic, functional and taxonomic diversity did not spatially overlap in other groups of organisms.

Research on phylogenetic and functional diversity will be definitely continued and new knowledge in both fields is expected to grow rapidly. However, studying functional diversity seems to be especially important because according to this study now the role of functional diversity in nature protection areas is unknown. Nonetheless, the results of this thesis show that most of the studies reach the similar conclusions about the importance of phylogenetic

and functional diversity in nature conservation. Therefore, already with the present knowledge of the different measures of diversity we can enhance the effectiveness of nature conservation.

Keywords: phylogenetic diversity, functional diversity, nature conservation, ecology, anthropogenic disturbances

Sisukord

Kokkuvõte.....	2
Summary	4
Sissejuhatus.....	7
1 Fülogeneetiline mitmekesisus.....	8
2 Funktsionaalne mitmekesisus.....	9
3 Fülogeneetiline ja funktsionaalne mitmekesisus looduskaitstes.....	11
3.1 Soontaimede fülogeneetiline ja funktsionaalne mitmekesisus looduskaitsealadel	13
3.2 Soontaimede fülogeneetiline ja funktsionaalne mitmekesisus antropogeense häiringuga kooslustes.....	17
3.3 Teiste organismirühmade fülogeneetiline ja funktsionaalne mitmekesisus looduskaitstes	23
4 Arutelu	29
Tänuavaldused	33
Kirjandus.....	34

Sissejuhatus

Bioloogilise mitmekesisuse uurimine on oluline uute efektiivsete looduskaitsealade planeerimisel ning vanade looduskaitsealade efektiivsuse hindamisel. Seni on bioloogilise mitmekesisuse hindamiseks kasutatud taksonoomilist mitmekesisust ehk liigirikkust. Kuid taksonoomiline mitmekesisus ei ole looduskaitstes piisavalt efektiivne, kui tahame kindlad olla, et kaitseme mitte ühesuguseid liike, vaid evolutsiooni jooksul tekkinud mitmekesiseid liike (fülogeneetiline mitmekesisus) ja nende mitmekesiseid tunnuseid (funktsionaalne mitmekesisus). Tänapäeval on seoses molekulaarsete meetodite arengu ja erinevate andmebaaside tekkimisega järjest kasvanud fülogeneetilise ja funktsionaalse mitmekesisuse info kättesaadavus, mistõttu on ka fülogeneetilise ja funktsionaalse mitmekesisuse osakaal looduskaitsealade planeerimisel kasvanud. Fülogeneetilise ja funktsionaalse mitmekesisuse efektiivsuse uurimine looduskaitstes ja antropogeense häiringuga aladel aitab mõista, kas fülogeneetilise ja funktsionaalse mitmekesisuse kasutamine looduskaitstes võib olla abiks liikide välja suremise ennetamisel. Seetõttu on oluline teha kindaks, kas nende kasutamine veel ühe komponendina looduskaitsealade planeerimisel on oluline.

Arvatakse, et fülogeneetilise ja funktsionaalse mitmekesisuse vahel esineb teatav seos: mõnedel funktsionaalsetel tunnustel (kuid mitte kõigil) esineb fülogeneetiline signaal, mis mõõdab seda, mil määral on lähedalt suguluses olevatel liikidel sarnasemad tunnuste väärtused kui kaugemalt suguluses olevatel liikidel (Srivastava *et al.* 2012). Kuna lähedalt suguluses olevad liigid ei pruugi omada ühiseid funktsionaalseid tunnuseid (Gerhold *et al.* 2015), on korrektne mõõta fülogeneetilist ja funktsionaalset mitmekesisust eraldi. Käesolevas töös püüan leida informatsiooni nii fülogeneetilise kui ka funktsionaalse mitmekesisuse kohta looduskaitsealadel ja väljaspool looduskaitsealasid - antropogeensete häiringutega aladel.

1 Fülogeneetiline mitmekesisus

Fülogeneetiline mitmekesisus on bioloogilise mitmekesisuse mõõde, mis näitab seda, kui lähedalt on kooseksisteerivad liigid omavahel suguluses. Kui liigid on lähisugulased, on tegemist väikese fülogeneetilise mitmekesisusega ehk fülogeneetilise klasterdumisega. Kui liigid on omavahel kaugelt suguluses, on fülogeneetiline mitmekesisus suur ehk fülogeneetiline struktuur on hajutunud (Tucker *et al.*, 2016).

Fülogeneetilist mitmekesisust mõõdetakse liikide omavahelise evolutsioonilise kauguse ehk fülogeneetiliste okste pikkuse abil fülogeneesipuu erinevate indeksitega. Ajalooliselt vanim fülogeneetilise mitmekesisuse mõõtmise indeks on PD (ingl. k. *phylogenetic diversity*; Faith 1992), mis sõltub aga matemaatiliselt liigirikkusest, sest seda arvutatakse liike ühendavate fülogeneetiliste okste pikkuse summana (mida rohkem liike, seda suurem summa (Pavoine & Bonsall 2011). Liigirikkusest sõltumatud fülogeneetilise mitmekesisuse indeksid on näiteks keskmine liigipaaride vaheline kaugus (MPD, ingl. k. *mean pair-wise distance*) ja keskmine lähimate taksonite vaheline kaugus (MNTD, ingl. k. *mean nearest taxon index*; Tucker *et al.* 2016). Kui MPD mõõdab fülogeneetilist mitmekesisust üle kogu fülogeneesipuu ehk evolutsiooniliselt vanemate kladide vahel (näiteks perekondade ja sugukondade tasandil), siis MNTD abil saab mõõta fülogeneetilist mitmekesisust liigitasandil ehk fülogeneesipuu harude tippude vahel (Tucker *et al.* 2016). Indeks ED mõõdab taksonite evolutsioonilist erisust ehk seda, kas liik esindab unikaalset evolutsioonilist liini või on tal palju sugulasi (ingl. k. *evolutionary distinctiveness*; Tucker *et al.*, 2016).

Fülogeneetiline informatsioon on tänapäevase ökoloogia kriitiline komponent. Fülogeneesipuu okste muster kujutab endast fenotüüpiliste ja geneetiliste erinevuste kogumit (Tucker *et al.*, 2016). Need erinevused võivad kirjeldada, selgitada või ennustada bioloogilisi ja ökoloogilisi protsesse (Tucker *et al.*, 2016).

2 Funktsionaalne mitmekesisus

Funktsionaalne mitmekesisus on bioloogilise mitmekesisuse mõõde, mis uurib funktsionaalsete tunnuste mitmekesisust organismidel kooslustes või ökosüsteemides (Petchey & Gaston, 2006). Funktsionaalsed tunnused on tunnused, mis mõjutavad koosluse või ökosüsteemi funktsioneerimist nagu näiteks taimede puhul taime kõrgus, mis kirjeldab valguse omandamise efektiivsust või seemne mass, mis kirjeldab paljunemisvõimet. (Petchey & Gaston, 2006). Funktsionaalsed tunnused võivad olla nii silmaga märgatavad morfoloogilised tunnused kui ka näiteks tunnused, mida pelgalt peale vaadates määrata ei saa nagu näiteks ainevahetuse tüüp ja efektiivsus.

Funktsionaalset mitmekesisust mõõdetakse indeksitega, mis kirjeldavad ühe või mitme funktsionaalse tunnuse mitmekesisust koosluses (Pavoine & Bonsall, 2011). Üks lihtsamaid taimede funktsionaalse mitmekesisuse mõõtmise viise on liikide jaotamine funktsionaalsetesse gruppidesse näiteks taimede süsiniku tarbimise tüübi järgi nagu C4 kõrrelised, C3 kõrrelised, lämmastikku siduvad liblikõielised ja lämmastikku mittesiduvad rohttaimed (Petchey & Gaston, 2006). Funktsionaalset mitmekesisust näitab sel juhul funktsionaalsete gruppide arv koosluses või liikide arv nendes gruppides. Funktsionaalset mitmekesisust saab aga mõõta mitte ainult kategooriliste, vaid ka pidevate tunnuste puhul nagu näiteks biomass, lehepind või juurte pikkus. Selleks koostatakse distantssimaatriks, kus on näidatud uuritava tunnuse väärtuse erinevused kõikide koosluse taimeliikide vahel (Petchey & Gaston, 2006). Funktsionaalse mitmekesisuse arvutamiseks võib kasutada liigirikkusest sõltuvat mõõdikut Rao ruut entroopia, mida mõõdetakse, liites funktsionaalses dendogramis, olevate liikide vahelisi okste pikkusi (Munguia-Rosas *et al.*, 2014). Goweri indeks toimib samuti dendogrami põhjal, kuid on sõltumatu liigirikkusest sest mõõdab mitte summaarset, vaid keskmist liikide vahelist okste pikkust (Goncalves-Souza *et al.*, 2015). Funktsionaalset mitmekesisust võib võrrelda ka sama liikide arvu kohta tehtud null mudeliga, et saada teada, kas uuritavate liikide funktsionaalne mitmekesisus on juhuslik või mitte (Schleuter *et al.*, 2010). Lisaks funktsionaalsele mitmekesisusele saab mõõta ka funktsionaalset ühtlust, et mõista, kas liikide omadused on jaotunud kooslustes ühtlaselt (Schleuter *et al.*, 2010).

Funktsionaalne mitmekesisus on ökoloogias oluline aspekt, sest see mõjutab ökosüsteemi dünaamikat, stabiilsust, produktiivsust ning toitainete tasakaalu (Tilman, 2001). Funktsionaalset mitmekesisust arvutatakse selleks, et mõista tunnuste ja ökosüsteemide vastastikke toimuvaid mehhanisme (Petchey & Gaston, 2006).

3 Fülogeneetiline ja funktsionaalne mitmekesisus looduskaitstes

Traditsiooniline looduskaitse toetub taksonoomilisele mitmekesisusele (Winter *et al.*, 2012), kusjuures süstemaatiline kaitsealade planeerimine põhineb tihti üksikute liigirühmade, näiteks tippkiskjate, kaitasel (Sobral *et al.*, 2014).

Fülogeneetilise ja funktsionaalse informatsiooni kasutamine looduskaitse planeerimisel ei ole siiani olnud kuigi populaarne (Laity *et al.*, 2015). Ainult mõned üksikud uurimused on püüdnud tähtsustada fülogeneetilist ja funktsionaalset mitmekesisust tervetes floorades ja faunades (Sobral *et al.*, 2014). Fülogeneetilise ja funktsionaalse mitmekesisuse senine vähene kasutamine on tingitud sellest, et fülogeneetiline informatsioon ja ka liikide tunnuste väärtused on siiani olnud kättesaadavad liiga väheste taksonite jaoks (Laity *et al.*, 2015). Samuti ei ole põhjalikult mõistetud looduskaitse seotust evolutsiooniliste protsessidega ning regionaalsete looduskaitsealade seotust globaalsete evolutsiooniliste protsessidega (Laity *et al.*, 2015). Siiski on viimase 20 aasta jooksul toimunud eksponentsiaalne kasv fülogeneetilise informatsiooni kättesaadavuses, ning on loodud mitmeid andmebaase maailma taimeliikide tunnustega, mistõttu kasvab ka looduskaitsealade planeerimisel fülogeneetilise ja funktsionaalse informatsiooni kasutamise tähtsus (Laity *et al.*, 2015).

Fülogeneetilise ja funktsionaalne mitmekesisuse tähtsustamine looduskaitstes algas umbes 20 aastat tagasi, kui Vane-Wright *et al.* (1991) arutlesid, et evolutsiooniliselt kauged liigid, millel puuduvad lähisugulased, peaksid olema looduskaitstes esile tõstetud, oletades, et kaugelt suguluses olevad liigid, millel on vähe alles jäänud sugulusliike, on fülogeneetilise mitmekesisuse säilitamisel olulisemad, kui liigid, millel on palju sugulasliike, millel on ka oletuslikult suurem geneetiline mitmekesisus. Tänapäeval on jõutud tõdemuseni, et kuna liikide globaalse väljasuremisega ei kaasne juhuslik evolutsioonilise materjali ning nendega kaasnevate ökoloogiliste funktsioonide kadu, on oluline kontrollida, kas praegused looduskaitsemeetmed rahuldavad ka nende aspektide säilumise (Sobral *et al.*, 2014). Fülogeneetilised liikide vahelised suhted peegeldavad biogeograafilisi ja ajaloolisi sündmusi, mis kujundavad kooosluste struktuuri ja ülesehitust aja jooksul (Sobral *et al.*, 2014). Sealjuures funktsionaalne mitmekesisus peegeldab rolli, mida iga individuaalne liik mängib ökosüsteemis (Sobral *et al.*, 2014).

Lisaraskuseks fülogeneetilise ja funktsionaalse mitmekesisuse kasutamisel looduskaitstes on asjaolu, et suure liigirikkusega alad ja suure fülogeneetilise või funktsionaalse mitmekesisusega alad ei pruugi omavahel ühilduda (Winter *et al.*, 2012). Lisaks ei pruugi ühilduda suure fülogeneetilise ja suure funktsionaalse mitmekesisusega alad. Ainult juhul, kui funktsionaalsed tunnused on fülogeneetiliselt tugevalt konserveerunud, võib fülogeneetiline mitmekesisus esindada ka funktsionaalset mitmekesisust (Zupan *et al.*, 2014). See tähendab, et lähedalt suguluses olevatel liikidel on suurem tõenäosus omada sarnaseid funktsionaalseid tunnuseid ja ökoloogilisi omadusi kui juhuslikult valitud liikidel. Seega võib ainult nendel juhtudel väita, et fülogeneetilise mitmekesisuse kasutamine looduskaitsealade planeerimisel aitab samaaegselt suurendada Maa elustiku evolutsioonilises ajaloos arenenud erinevate funktsionaalsete tunnuste näol (Zupan *et al.*, 2014).

3.1 Soontaimede fülogeneetiline ja funktsionaalne mitmekesisus looduskaitsealadel

Kaasaegses looduskaitstes on võtme-eesmärgiks kaitsta nii liike kui ka funktsionaalset ning fülogeneetilist mitmekesisust, mida liigid esindavad (Tucker *et al.*, 2011). Ainult liikide mitmekesisuse põhjal loodud looduskaitsealadel võivad jääda haruldased, ohustatud, funktsionaalselt või fülogeneetiliselt erilised liigid esindamata, kuid see-eest on ülekaalus laialdaselt levinud liigid (Tucker *et al.*, 2011). Vaatamata sellele, et looduskaitsealad on loodud erinevatel põhjustel, mille hulka kuuluvad ka majanduslikud, kultuurilised ning ökoloogilised põhjused, mõõdeti siiani nende efektiivsust peamiselt taksonoomilise mitmekesisuse kaitse tõhususe põhjal. Seetõttu on kasulik uurida, kuidas on seotud funktsionaalne ja fülogeneetiline mitmekesisus taksonoomilise mitmekesisusega ning kuidas on need mõõtmised esindatud tänapäevastel looduskaitsealadel (Tucker *et al.*, 2011).

Ainult liigirikkuse alusel looduskaitsealade määramisel ei tuvastata alasid, kus vähemarvukad liigid esindavad olulist osa fülogeneetilisest mitmekesisusest (Faith, 1992; Laity *et al.*, 2015). Seda seetõttu, et erinevad liikide rühmad võivad fülogeneetilise mitmekesisuse suuruse poolest suuresti erineda nagu võivad ka geograafilised alad (Laity *et al.*, 2015). Näiteks, kui sureks välja liik *Wollemia nobilis*, mis on oma 150 miljoni aastase fülogeneetilise liini ainuke järglane, oleks fülogeneetilise materjali kaotus palju suurem kui mõne noore liigi puhul, millel on palju sugulasi (Laity *et al.*, 2015).

Huvitaval kombel on funktsionaalne mitmekesisus looduskaitsealadel siiani praktiliselt uurimata: mul ei õnnestunud kirjandusest leida funktsionaalse mitmekesisuse uuringuid looduskaitsealadel. Selles peatükis kirjeldatavates uurimustöodes käsitletakse funktsionaalset mitmekesisust kui fülogeneetilise mitmekesisusega endastmõistetavalt korreleeruvat parameetrit (Forest *et al.* 2007, Tucker *et al.* 2012) või selle uurimise vajalikkust looduskaitsealal ei mainita üldse (Li *et al.* 2015).

Tänapäeva looduskaitstes on palju tähelepanu pööratud bioloogilise mitmekesisuse tulipunktidele (Forest *et al.*, 2007). Maailmas on 35 piirkonda, kus on väga kõrge liigirikkus, endeemsuse tase ja elupaiga hävimise tõenäosus, mistõttu need alad on defineeritud kui bioloogilise mitmekesisuse tulipunktid (Tucker *et al.*, 2012).

Lõuna-Aafrika edelaosas asuv Hea Lootuse Neem on botaaniliselt üks kõige liigirikkamaid alasid maailmas (Forest *et al.*, 2007). Hea Lootuse Neeme pindala on suhteliselt väike, umbes 90 000 km², kuid seal on rohkem kui 9000 taimeliiki, millest umbes 70% on endeemsed (Forest *et al.*, 2007). Üks kolmandik Hea Lootuse Neeme floorast on IUCN punase nimistu poolt klassifitseeritud kaitsealuste liikide alla (Tucker *et al.*, 2011). Hea Lootuse Neeme iseloomustavad jahedad ja niisked talved ning kuumad ja põuale altid suved (Tucker *et al.*, 2011). Sademeid on suviti peamiselt idas ja talvel läänes (Tucker *et al.*, 2011).

Aastakümneid on märgatud, et Hea Lootuse Neemel jookseb pikisuunas läänest itta liigirikkuse gradient (Forest *et al.*, 2007). Läänes, kus sademed on valdavalt talvel, on ka umbes kaks korda suurem liigirikkus kui idas (Forest *et al.*, 2007). Suuremat liigirikkust lääneosas on tihti seostatud suurema liigitekke ja vähemate väljasuremistega, mis on tingitud evolutsiooniliste ja ajalooliste tingimuste eripäradest, näiteks mulla niiskuse tase oli Läänes kõrgem pärast viimase jääaja poolt põhjustatud jahedamat kliimat (Cowling, 1999; Forest *et al.*, 2007).

Lääneosas varieerub liigirikkus ka pinnavormiti: homogeensetel madalikel on liigirikkus väiksem kui heterogeensetes mäestikes (Forest *et al.*, 2007). Lisaks on läänes ka endeemsuse tase kõrgem (Forest *et al.*, 2007). Forest *et al.* (2007) tegid Hea Lootuse Neeme taimkatte inventuuri, rekonstrueerisid fülogeneesipuu ja võrdlesid liigirikkust ja fülogeneetilist mitmekesisust, mida mõõdeti indeksiga PD. Tulemuseks saadi, et nii liigirikkus kui ka fülogeneetiline mitmekesisus olid Hea Lootuse Neemes jaotunud sarnaselt, mis viitab fülogeneetilise mitmekesisuse piiratud tähtsusele selle piirkonna looduskaitse planeerimisel (Forest *et al.*, 2007). Kuid tulemuste tervele alale üldistamine peidab olulisi erinevusi fülogeneetilise ja taksonoomilise mitmekesisuse geograafilises jaotumises: jaotades ala väiksemateks osadeks, leiti, et mõningates osades oli fülogeneetiline mitmekesisus väiksem või suurem kui taksonoomiline liigirikkus (Forest *et al.*, 2007). Selgus, et fülogeneetiline mitmekesisus oli jaotunud iseloomulikult ida ja lääne vahel, mis üldjoontes kattus kliimatsioonidega: fülogeneetiline mitmekesisus oli suurem idas kui läänes (Forest *et al.*, 2007). Nimelt selgus lääneosa uurides, et sealne flora oli fülogeneetiliselt klasterdunud: flora koosnes fülogeneetiliselt suhteliselt lähedastest perekondadest, mis tulenes viimase

25 miljoni aasta jooksul toimunud liigiteketest (Forest *et al.*, 2007). Selle tulemusega lükati ümber arvamus, et looduskaitsealade planeerimisel saab fülogeneetilist liigirikkust asendada taksonoomilise liigirikkusega (Forest *et al.*, 2007).

Ka Tucker *et al.* (2011) uurisid Hea Lootuse Neemes fülogeneetilise mitmekesisuse, mida mõõdeti indeksiga PD, ja taksonoomilise mitmekesisuse omavahelist seost. Autorid keskendusid oma uuringus prootealiste (*Proteaceae*) sugukonna liikidele ning nende fülogeneetilisele ja taksonoomilisele mitmekesisusele. Hea Lootuse Neeme piikonnas esines sellest sugukonnast üle 330 taksoni, mis olid endeemsed või peaaegu endeemsed (Tucker *et al.*, 2012). Lisaks taksonoomisele ja fülogeneetilisele mitmekesisusele uurisid autorid biogeograafiliselt kaalutud evolutsioonilise harulduse mõõtu (inglise. k. *biogeographically weighted evolutionary distinctiveness*), mis kaalub evolutsiooniliste liinide osakaalu fülogeneesipuus nende liinide arvukusega mingis geograafilises punktis (Tucker *et al.*, 2012). See meetod võimaldas ühendada prootealiste fülogeneetilise mitmekesisuse nende geograafilise jaotusega (Tucker *et al.*, 2012). Selle töö esimeseks tulemusteks saadi, et fülogeneetiline ja taksonoomiline mitmekesisus olid üle kogu uurimisala omavahel tugevalt seotud, kuid suurim liigirikkus oli koondunud väiksematele aladele kui suurim fülogeneetiline mitmekesisus (Tucker *et al.*, 2012). See tulemus näitab, et fülogeneetiline ja taksonoomiline mitmekesisus langevad kokku ainult juhul, kui ei võeta arvesse nende ruumilist jaotust, ning väiksematel looduskaitsealal võib fülogeneetiline mitmekesisus jääda vähem esindatuks kui taksonoomiline liigirikkus (Tucker *et al.*, 2012). Teiseks tulemuseks saadi, et biogeograafiliselt kaalutud evolutsioonilise harulduse mõõdu kaardistamisel tuli välja palju vähem mitmekesisuseid piirkondi kui fülogeneetilise või taksonoomilise mitmekesisuse järgi (Tucker *et al.*, 2012). Erinevalt taksonoomilisest ja fülogeneetilisest mitmekesisusest, näitas biogeograafiliselt kaalutud evolutsioonilise harulduse mõõt suurimat mitmekesisust uurimisala lõuna- ja edelaosas (Tucker *et al.*, 2012). Seda sellepärast, et seal leidis liike, mis olid haruldased nii evolutsiooniliselt (st. fülogeneesipuul eraldiseisvad) kui ka geograafiliselt. Autorid järeldavad, et biogeograafiliselt kaalutud evolutsioonilise harulduse mõõt on asendamatu evolutsiooniliselt ja geograafiliselt haruldaste liikide mitmekesisuse tuvastamiseks.

Duongi org Hiinas on üks osa Indo-Burma bioloogilise mitmekesisuse tulipunktist, mis asub Tiibeti platoo koguosas (Li *et al.*, 2015). Selles piirkonnas on suured kõrgusvöötmed erinevused ning rikkalik floora (Li *et al.*, 2015). Duongi orus on erinevaid bioloogilist mitmekesisust ohustavaid tegureid: elupaikade hävimine, metsade fragmenteerumine ning loodusvarade liigtarbimine (näiteks lageraie) (Li *et al.*, 2015). Li *et al.* (2011) uurisid selles piirkonnas taksonoomilist liigirikkust, mille tulemusel leiti, et Duongi orus peaks looduskaitsealana eelistama igihaljaid laialehiseid metsi, sest seal on kõige suurem taksonoomiline mitmekesisus. Uurides Duongi oru fülogeneetilist mitmekesisust, hindasid Li *et al.* (2015) fülogeneetilise ja taksonoomilise mitmekesisuse omavahelisi seoseid ning uurisid taimekoosluste fülogeneetilist struktuuri. Fülogeneetilist mitmekesisust uuriti indeksiga PD, koosluste fülogeneetilist struktuuri uuriti indeksiga NRI (Li *et al.*, 2011). Selle töö tulemusena dokumenteeriti Duongi orus 2816 soontaimeliiki, millest 132 olid endeemsed (Li *et al.*, 2011; Li *et al.*, 2015). Suur liigirikkus ja endemsuse tase tuleneb ilmselt ala geoloogilisest, topograafilisest ja kliimaatilisest mitmekesisusest (Li *et al.*, 2015). Taksonoomiline ja fülogeneetiline mitmekesisus olid Duongi orus tugevalt seotud, mis viitas fülogeneetilise mitmekesisuse limiteeritud tähtsusele looduskaitsealade planeerimisel. Näiteks asus liigirikkuse haripunkt keskmisel kõrgusel, 1900-2100 meetri kõrgusel merepinnast (Li *et al.*, 2015). Fülogeneetilise mitmekesisuse jaotus oli sarnane taksonoomilisele mitmekesisusele - maksimaalne fülogeneetiline mitmekesisus oli samuti 1900-2100 meetri kõrgusel merepinnast (Li *et al.*, 2015). Vaadeldes koosluste tüüpe, leiti samuti, et kõige kõrgem taksonoomiline ja ka fülogeneetiline mitmekesisus oli igihaljas laialehises metsas (Li *et al.*, 2015). Kõige madalam taksonoomiline ja fülogeneetiline mitmekesisus olid alpiniidukooslustes ja laiemalt kogu alpiinses vööndis (Li *et al.*, 2015). Kuid koosluste fülogeneetilise struktuuri uuringud näitasid, et väga paljudes kooslustes oli fülogeneetilise mitmekesisuse tase oodatust (st sama arvu liikide juures nullmudeli poolt pakutavast) madalam või kõrgem (Li *et al.*, 2015). Näiteks oli igihalja laialehise metsa fülogeneetiline mitmekesisus oodatust kõrgem, teistes uuritud kooslustes aga madalam. Laialehiste metsade puhul näitab see tulemus, et sealses koosluses oli liike kõikidest või paljudest soontaimede kladidest, mis võiks autorite arvates olla üks looduskaitse prioriteete.

3.2 Soontaimede fülogeneetiline ja funktsionaalne mitmekesisus antropogeense häiringuga kooslustes

Vastukaaluks sellele, kuidas on fülogeneetiline ja funktsionaalne mitmekesisus esindatud kaitse all olevatel aladel, uurin käesolevas peatükis, kuidas käituvad need mitmekesisuse mõõdikud väljaspool looduskaitsealasid – antropogeense häiringuga kooslustes.

Maakasutuse intensiivistumist peetakse kõige suuremaks globaalse bioloogilise mitmekesisuse muutumise teguriks (Arroyo-Rodriguez *et al.*, 2012). Üheks levinuimaks ja uurituimaks maakasutuse muutuse tagajärjeks metsade ja ka rohumaade puhul on koosluste fragmenteerumine. Suur osa globaalsest bioloogilisest mitmekesisusest asub tänapäeval fragmenteerunud maastikul, mistõttu on bioloogilise mitmekesisuse säilitamine ruumiliselt heterogeensetes piirkondades oluline (Munguia-Rosas *et al.*, 2014).

Fragmenteerumine on väga levinud probleemiks troopiliste metsade puhul, sest troopilisi metsi kasutatakse intensiivselt põllumajanduslikel eesmärkidel (Arroyo-Rodriguez *et al.*, 2012). Samas esindavad troopilised metsad kõige liigirikkamat bioomi Maal ning on väga mitmekesised nii liigirikkuse kui ka fülogeneetilise ja funktsionaalse mitmekesisuse poolest (Arroyo-Rodriguez *et al.*, 2012). Praeguse troopiliste metsade fragmenteerumise tempo juures ei ole aga raske ennustada, et mõne kümnendi pärast koosneb suurem osa maailma troopilistest metsadest väikestest isoleeritud metsa fragmentidest, seetõttu ongi oluline mõista, mil määral isoleeritud fragment suudab säilitada fülogeneetilist ja funktsionaalselt mitmekesisust (Munguia-Rosas *et al.*, 2014).

Metsade fragmenteerumise tulemusel tekivad isoleeritud metsa fragmendid, mille vahele tekib muutunud flooraga maatriks (Munguia-Rosas *et al.*, 2014). Sellega seoses on organismid, mis elutsevad isoleeritud metsa fragmendis, avatud maatrikselupaigast tulevatele keskkonnamõjudele nagu intensiivsem päikese kiirgus, kuumus, kuivus jne (Murcia, 1995; Munguia-Rosas *et al.*, 2014). Selle tulemusena võivad taimekooslused

muutuda – hakkavad domineerima pioneerliigid, millel on sarnased funktsionaalsed tunnused nagu kiire kasv ja suur valguse nõudlus, mistõttu on fragmentides madalam funktsionaalne mitmekesisus (Munguia-Rosas *et al.*, 2014). Kuna tunnused, mis teevad taimed väljasuremisele tundlikumaks, võivad olla fülogeneetiliselt mittejuhuslikud, võivad kaduda terved fülogeneetilised klaadid, vähendades omakorda fülogeneetilist mitmekesisust (Munguia-Rosas *et al.*, 2014). On leitud, et fragmenteerunud metsas on lisaks taksonoomilisele liigirikkusele ka funktsionaalne ja fülogeneetiline mitmekesisus madalam kui fragmenteerumata metsas (Munguia-Rosas *et al.*, 2014). Munguia-Rosas *et al.* (2014) uurisid fragmenteerunud metsa mööda Yukatani poolsaare läänerannikut. Nad identifitseerisid soontaimi, kasutades 50x4m transekte fragmenteerumata igihaljas metsas ja sellega külgnevas looduslikult fragmenteerunud metsas ning võrdlesid nende taksonoomilist, fülogeneetilist ja funktsionaalset mitmekesisust (Munguia-Rosas *et al.*, 2014). Fülogeneetilise mitmekesisuse hindamiseks kasutati erinevaid indekseid: PD, MPD ja MNTD (Munguia-Rosas *et al.*, 2014). Funktsionaalset mitmekesisust mõõdeti Rao ruut entroopia indeksiga järgmistel tunnustel: (lehe kuivkaal, 1 lehe suurus, lehe eripind (SLA), lehe paksus ja taime kõrgus (Munguia-Rosas *et al.*, 2014). Fragmenteerumata metsas oli 36 liiki, kuid fragmenteerunud metsas ainult 28 liiki. Ka Rao ruut entroopia oli (11%) kõrgem fragmenteerumata metsas kui fragmenteerunud metsas (Munguia-Rosas *et al.*, 2014). Fülogeneetiline mitmekesisus PD oli 19% kõrgem fragmenteerumata metsas kui fragmenteerunud metsas ning samuti olid MNTD 54% ning MPD 15% kõrgemad fragmenteerumata kui fragmenteerunud metsas (Munguia-Rosas *et al.*, 2014).

Santos *et al.* (2010) uurisid, kuidas liikide väljasuremine mõjutab praeguste puude koosluste fülogeneetilist mitmekesisust Usina Serra Grande's, Loode-Brasiilia atlantilises vihmametsas. Brasiilia atlantiline vihmamets on üks kõige olulisem bioloogilise mitmekesisuse kriisikoldeid maailmas (Santos *et al.*, 2010). Esialgselt hõlmas see umbes 150 miljonit hektarit, aga nüüd hinnatakse, et esialgsest metsast on alles jäänud vaid 16% (Santos *et al.*, 2010). Lisaks on see piirkond kehvalt kaitstud, looduskaitsealasid on ainult 1% ulatuses alles jäänud metsast ning see allesjäänud mets on jagunenud umbes 250000 fragmendiks, millest 80% on väiksemad kui 50 hektarit ja keskmine vahemaa fragmentide vahel on 1500 meetrit (Santos *et al.*, 2010). Veelgi enam, peaaegu 50% taimestikust on vähem kui 100 meetri kaugusel lähimast äärealast (Santos *et al.*, 2010). Autorid valisid välja

suure (667 km²), tugevalt fragmenteerunud metsa, mis koosnes 109 fragmendist suuruses 1,7-3500 hektarit, mida kõiki ümbritses suhkruroopõld (Santos *et al.*, 2010). 3500 hektari suurune Coimbra mets esindas kõige suuremat ja paremini säilinud fragmenti terves regioonis ning selle sisemust kasutati kontrollina, sest seal oli säilinud palju taimede ning selgroogsete rühmi, mis on tüüpilised häiringuteta atlantilistele metsadele (Santos *et al.*, 2010). Autorid kasutasid fülogeneetilise mitmekesisuse hindamiseks indekseid MPD, NRI ja NTI (Santos *et al.*, 2010). MPD tulemustest selgus, et fülogeneetiline mitmekesisus oli tunduvalt väiksem metsa äärealadel ja väikestes metsa fragmentides võrreldes kontrollmetsa keskmega: keskmiselt oli MPD metsa äärealadel 11% madalam kui metsa keskmes (Santos *et al.*, 2010). Nii NRI kui ka NTI indekseid tulemused fragmenteerunud metsas viitasid fülogeneetilisele klasterdumisele (Santos *et al.*, 2010).

Kõige olulisem tulemus oli aga, et vähenenud liigirikkusega metsaservas kaasnes ka vähenenud fülogeneetiline mitmekesisus (Santos *et al.*, 2010). Arvestades, et peaaegu pool väga fragmenteerunud Brasiilia atlantilisest vihmametsast on vähem kui 100 meetri kaugusel lähimast äärealast, on tõenäoline, et äärealade tõttu puude fülogeneetilise mitmekesisuse langus on nüüd veelgi olulisem regionaalsel tasemel (Santos *et al.*, 2010).

Mõnikord ei ole metsade fragmenteerumise mõju fülogeneetilisele mitmekesisusele aga leitud. Arroyo-Rodriguez *et al.* (2012) uurisid 45 vihmametsa prooviruutu, mis asusid 31 erineval maastikul erineva raie tasemega (4%, 11% ja 24%), Los Tuxase regioonis, Mehhikos. Fülogeneetiliste muutuste mitte leidmise põhjuseks toovad autorid lühikese vaatlusaja: Los Tuxase regioon on hiljuti fragmenteerunud (40-50 aastat tagasi) ning paljude liikide väljasuremine ei ole veel ilmne täiskasvanud kogumikes (Arroyo-Rodriguez *et al.*, 2012).

Mitmed uuringud on hinnanud troopiliste metsade fragmenteerumise lühiajalist mõju taimede taksonoomilisele liigirikkusele, kuid ainult mõned üksikud uuringud on hinnanud selle mõju funktsionaalsele või fülogeneetilisele mitmekesisusele (Munguia-Rosas *et al.*, 2014). Samuti on hinnatud metsade fragmenteerumise lühiajalist mõju eraldi nii fülogeneetilisele kui ka funktsionaalsele mitmekesisusele, kuid ei ole uuritud pikaajalist mõju (Munguia-Rosas *et al.*, 2014). Pikaajalise mõju uurimine on keerulisem, sest paljud

tagajärjed vajavad piisavalt üleminekuaega, et kooslused läbiksid üleminekuperioodid, enne kui jõuavad lõplikku tasakaalu (Munguia-Rosas *et al.*, 2014). Mõned autorid on rõhutanud, et pikaajalise mõju uurimisel tasub uurida looduslikult fragmenteerunud metsi, sest need metsad on olnud fragmenteerunud tuhandeid või miljoneid aastaid (Munguia-Rosas *et al.*, 2014).

Fragmenteerunud metsade soontaimede funktsionaalne mitmekesisus võib väheneda ka teiste organismisrühmade mitmekesisuse vähenemise kaudu. Seda näitasid Arroyo-Rodriguez *et al.* (2009). Arroyo-Rodriguez *et al.* (2012) selgitavad, et varasemad uuringud, mis on läbi viidud fragmenteerunud metsades, tõestavad, et, liigid mis surevad esimesena välja, jagavad ühiseid funktsionaalseid tunnuseid nagu varjutaluvus ja levimisviis. On kindlaks tehtud, et enamik troopilistest puuliikidest on loomlevijad (Arroyo-Rodriguez *et al.*, 2012). Suured (> 1kg) puuviljadest toituvad imetajad suudavad levitada suurt hulka suurte seemnetega (> 1cm) taimeliike, millel on piiratud arv levitajaid (Arroyo-Rodriguez *et al.*, 2012). Sellepärast, et need imetajad on fragmenteerunud metsas suuremas väljasuremisohus, võib olla nende taimeliikide seemnete levitamine ja idanemine piiratud (Arroyo-Rodriguez *et al.*, 2012). Lisaks võivad hakata rolli mängima keskkonnategurid: väikeste metsafragmentide kõrge temperatuur, suurem valguse intensiivsus ja madalam niiskustase võivad tõsta paljude varjulembeste kliimaksliikide suremusmäära ja vähendada nende seemnete tootlikkust ning idanemist (Arroyo-Rodriguez *et al.*, 2012).

Peralta *et al.* (2014) uurisid, kuidas on kolme erineva troofilise taseme fülogeneetiline mitmekesisus mõjutatud maakasutuse muutuse läbi Uus-Meremaal. Täpsemalt mõõdeti fülogeneetiliste suhete muutusi taim-herbivoor-parasitoid toitumisahelate võrgustikus mööda võõrliikide istanduse ja põlismetsa vahelist gradienti (Peralta *et al.*, 2014). Autorid keskendusid liblikaliste röövikutele, sest neil võib olla märkimisväärne mõju taimede produktiivsusele, ning on teada, et nende liigirikkuse kasvab taimede fülogeneetilise mitmekesisuse kasvuga (Peralta *et al.*, 2014). Samal ajal suudavad suhteliselt spetsialiseerunud tarbijad - parasitoidid - avaldada tugevat mõju liblikaliste arvukusele (Peralta *et al.*, 2014). Autorid uurisid taimede, herbivooride ning parasitoidide fülogeneetilisi kooslusi kahe indeksi abil: esimene indeks oli fülogeneetiline mitmekesisus PSV (ingl. k. *phylogenetic species variability*), millega mõõdeti fülogeneetilist

mitmekesisust koosluse lõikes; teine indeks oli fülogeneetiline ühtlus PSE (inglise. k. *phylogenetic species evenness*) ning see mõõtis liikide nii fülogeneetilist kui ka taksonoomilist ühtlust. Kui kõikide liikide fülogeneetiline ühtlus on sama ehk kui kõik liigid on üksteisega võrdselt sugulased, siis fülogeneetiline ühtlus on võrdne fülogeneetilise mitmekesisusega (Peralta *et al.* 2014). Tulemuseks leiti, et taimekoosluste fülogeneetiline ühtlus oli madalam istanduse keskmes kui loodusliku metsa keskmes, kuigi mitte, kui arvestada ainult looduslikke liike (Peralta *et al.*, 2014). Veel leiti, et fülogeneetiline ühtlus oli kõrgem loodusliku metsa äärealadel kui keskmes, kuid see oli märkimisväärne ainult juhul, kui arvestati sisse ka juurde tulnud liigid (Peralta *et al.*, 2014). Viimast tulemust seletasid autorid sellega, et metsaserva muutunud keskkonnatingimused sobisid juurdetulevatele liikidele, mis tõstsid seal fülogeneetilist mitmekesisust (Peralta *et al.*, 2014). Hoolimata taimedel täheldatud fülogeneetilise mitmekesisuse muutustest ei leitud mitte ühtegi erinevust herbivooride fülogeneetilises mitmekesisuses, mis võib olla põhjustatud herbivooride madalast troofilisest spetsialiseerumisest, mille tulemusel nõrgenevad taimede ja herbivooride vahelised interaktsioonid (Peralata *et al.*, 2014). Teisalt leiti, et herbivooride fülogeneetiline ühtlus oli madalam loodusliku metsa keskel kui istanduse keskel, aga see on selgitatav sellega, et monokultuursetes istandustes ongi rohkem herbivoore, aga erinevaid liike, kes domineerivad, on vähe (Peralta *et al.*, 2014). Vastupidiselt herbivooridele leiti, et ei parasitoidide mitmekesisus ega ka arvukus ei olnud mõjutatud metsa servast, kui arvestati nii kohalikke kui ka juurdetulnud liike. Kuid kui arvesti ainult kohalikke liike, oli loodusliku metsa keskel parasitoidide fülogeneetiline mitmekesisus madalam kui äärealadel (Peralata *et al.*, 2014). See viitab sellele, et äärealadel on liikide reaktsioonid ökoloogilistele muutustele erinevad (Peralata *et al.*, 2014).

Barber *et al.* (2016) uurisid invasiivsete liikide mõju fülogeneetilisele mitmekesisusele Nachua rohtlas, mis asub Illinoisi osariigis, USA-s. Võõrliikide invasiooni peetakse selles maastikus üheks bioloogilise mitmekesisuse vähenemise suurimaks põhjuseks ning võõrliigid on suureks probleemiks looduskaitsealade loomisel, sest võõrliigid tõrjuvad kohalikke liike välja (Barber *et al.*, 2016). Kohalikud rohtlad kuuluvad ka väga ohustatud elupaikade hulka - 90% looduslikest rohtlatest on muudetud põllumaaks või kasutatakse muul otstarbel (Barber *et al.*, 2016). Uurimisalana kasutati erineva vanusega rohtlaid, mille vanus kõikus 2-19 aasta vahel alates ala taastamisest (Barber *et al.*, 2016). Uurimisaladel

vaadeldi taimekooslusi, koostati kohaliku floora fülogeneesipuu (sinna hulka kuulusid ka juurde istutatud liigid), arvatati nii iga ala fülogeneetiline mitmekesisus kui ka juurde külvatud seemnete fülogeneetiline mitmekesisus (Barber *et al.*, 2016). Uuriti 16 erinevat ala, suurusega 1,1-17,4 hektarit (Barber *et al.*, 2016). Uurimisalasid hoiti põllukultuuridega mitteseotud liikidest puhtana regulaarsete külvikordade abil, sel viisil ei kasvanud põldudel lõpuks enam mitte ühtegi kohalikku liiki (Barber *et al.*, 2016). Aladele istutati mitmekesine kohalike liikide seemnete segu, mis korjati lähedalasuvatelt jäänuk või taastatud rohtlatelt (Barber *et al.*, 2016). Kõikide koosluste kohta arvatati välja kaks fülogeneetilise mitmekesisuse mõõdet: MPD ja MNTD. Selleks, et määrata, kas külvatud seemnete fülogeneetiline mitmekesisus mõjutab eksootiliste liikide invasiooni, rühmitati liigid kohalikeks ja eksootilisteks liikideks, vastavalt enne ja pärast Euroopa kolonisatsiooni Põhja-Ameerikasse (Barber *et al.*, 2016). Töö tulemuseks leiti, et taastamisest alates langes taksonoomiline mitmekesisus, kuid fülogeneetilise mitmekesisuse muutust ei täheldatud (Barber *et al.*, 2016). Seemnesegu fülogeneetilised mõõdikud – MPD ja MNTD - ei näidanud 17 uurimisaasta jooksul muutusi (Barber *et al.*, 2016). Võrreldes indeksit MNTD nulljaotusega, selgus, et edukate liikide MNTD oli palju väiksem kui nulljaotusega ennustatud juhuslik suurus, mis viitab sellele, et need liigid olid fülogeneetiliselt klasterdunud (Barber *et al.*, 2016). MPD väärtus seevastu ei erinenud nulljaotuse keskmisest tulemusest (Barber *et al.*, 2016). Seemnesegu MPD ja MNTD ei mõjutanud eksootiliste liikide edukust, kuigi eksootiliste liikide osakaal kasvas taastamise ajaga (Barber *et al.*, 2016). Külvatud seemnete fülogeneetiline mitmekesisus ei taganud suurema fülogeneetilise mitmekesisusega kooslusi (Barber *et al.*, 2016). Tulemustest selgus ka, et kohalikud väljasuremised ei ole kallutatud fülogeneetiliselt lähedaste või fülogeneetiliselt eraldiseisvate liikide poole (Barber *et al.*, 2016). Seega väljasuremine ei ole tõenäolisem liikidel, millel on koosluses kas rohkem või vähem sugulasliike, sest mõlema stsenaariumi puhul peaksid kasvama nii MPD kui ka MNTD (Barber *et al.*, 2016).

3.3 Teiste organismirühmade fülogeneetiline ja funktsionaalne mitmekesisus looduskaitstes

Laity *et al.* (2015) uurisid fülogeneetilist mitmekesisust Austraalias, keskendudes kahele väga suure taksonoomilise mitmekesisuse alale: mandri edelaosa lääneosale ja Queenslandi piirkonna kaguosale (Laity *et al.*, 2015). Kokku analüüsiti seitsmet erinevat organismirühma: katteseemnetaimedest perekondi *Acacia* ja *Daviesia*, imetajaid, puukonni, Austraalia veekonni sugukonnast *Hylidae*, värvulisi ja tigusiid sugukonnast *Camaenidae* (Laity *et al.*, 2015).

Austraalia kuulub 17 bioloogiliselt väga mitmekesise riigi hulka (Laity *et al.*, 2015). Riigi suurt bioloogilist mitmekesisust ei peegelda mitte ainult suur liigirikkus, vaid ka liikide kõrge endeemsuse tase: umbes 92% soontaimedest ei leidu mitte kusagil mujal maailmas (Laity *et al.*, 2015). Selline tavatu bioloogiline mitmekesisus on arenenud tänu Austraalia geograafilisele isolatsioonile miljonite aastate jooksul (Laity *et al.*, 2015). Lisaks on Austraalias tugev seadusandlus ja poliitiline raamistik, mis ametlikult soosib fülogeneetilise mitmekesisuse kasutamist looduskaitsealade planeerimisel (Laity *et al.*, 2015).

Austraalia edelaosas on vahemereline mets ja põõsastik, mille pindala ulatub umbes 300 000 km² –ni (Laity *et al.*, 2015). Edelaosa on geograafiliselt teistest osadest rohkem eraldatud ning seetõttu on seal kujunenud ülejäänud kontinendist erinev liigiline koosseis (Laity *et al.*, 2015). Queenslandi kaguosa pindala on umbes 78 000 km², seal on parasvöötmelised laialehised metsad ja segametsad ning see ala kuulub lähistroopilise ja parasvöötme kliima vahepealsesse piirkonda (Laity *et al.*, 2015). Seetõttu on seal esindatud nii lähistroopikale kui ka parasvöötmele omased liigid (Laity *et al.*, 2015).

Autorid jagasid terve Austraalia võrgustikuks, mis koosnes 20x20 kilomeetri suurusest ruutudest, kusjuures uuriti nii tervet kontinenti kui ka iga ruutu eraldi (Laity *et al.*, 2015). Selleks, et hinnata mitmekesisuse ruumilist jaotust, arvutati iga uurimisruudu kohta eraldi taksonoomiline ja fülogeneetiline mitmekesisus indeksiga PD, kaalutud endeemsus (ingl. k. *weighted endemism*), absoluutne liikide endeemsus, fülogeneetiline endeemsus (ingl. k.

phylogenetic endemism) ja fülogeneetiline liikide endeemsus (ingl. k. *phylogenetic diversity endemism*) (Laity *et al.*, 2015). Kaalutud endeemsuse puhul arvutati iga taksoni osakaal proportsionaalselt piirkonniti ning jagati see tulemus terve taksoni levikualaga (Laity *et al.*, 2015). Fülogeneetilise endeemsuse jaoks arvutati iga taksoni okste pikkuste summa fülogeneesipuu proportsionaalselt piirkonniti ning jagati see tulemus terve taksoni levikualal olevate liikide fülogeneesipuu okste pikkuste summaga (Laity *et al.*, 2015). Fülogeneetiline liikide endeemsus arvutati uuritavale piirkonnale ainuomaste liikide fülogeneesipuu okste pikkuste kokku liitmisel (Laity *et al.*, 2015).

Selle töö tulemusena selgus, et loomade fülogeneetiline mitmekesisus oli suurem Queenslandi kaguosas, taimede fülogeneetiline mitmekesisus aga Austraalia edelaosas (Laity *et al.*, 2015). Üleüldiselt arvestades nii taimi kui loomi oli fülogeneetiline endeemsus kõrgem Austraalia edelaosa lääneosas (Laity *et al.*, 2015). Mahukas osa taimede fülogeneetilisest mitmekesisusest (43% *Acacia* ja 73% *Daviesia*) paiknes Austraalia edelaosa lääneosas, kusjuures 6% *Acacia* ja 9% *Daviesia* fülogeneetilisest mitmekesisusest oli sellele alale endeemne (Laity *et al.*, 2015).

Eri organismirühmade fülogeneetilise mitmekesisuse jaotuse vahel ei täheldatud kummalgi uurimisalal tugevat ühildumist (Laity *et al.*, 2015). Kõige tugevam seos Queenslandi kaguosas oli sugukondade *Hylidae* ja *Camaenidae* fülogeneetilise mitmekesisuse vahel, kus oli suure fülogeneetilise mitmekesisusega alade kattumise suurus R^2 väärtusega 0,66 (Laity *et al.*, 2015). Väiksem ühildumine oli värvuliste ja imetajate vahel ($R^2 = 0,52$), imetajate ja tigude sugukonna *Camaenidae* vahel ($R^2 = 0,53$) ning veekonnade sugukonna *Hylidae* ja imetajate vahel ($R^2 = 0,52$) (Laity *et al.*, 2015). Austraalia edelaosa lääneosas oli kõige tugevam seos imetajate ja sugukonna *Camaenidae* fülogeneetilise mitmekesisuse vahel (Laity *et al.*, 2015). Fülogeneetilise endeemsuse osas ei leitud eri organismirühmade vahel olulist seost (Laity *et al.*, 2015). Värvulistel, puukonnadel ja Austraalia veekonnadel leiti aga mõlemas piirkonnas tugev seos taksonoomilise ja fülogeneetilise mitmekesisuse ning fülogeneetilise endeemsuse ja kaalutud endeemsuse vahel (Laity *et al.*, 2015). Uuritud taimerühmadel (perekonnad *Acacia* ja *Daviesia*) puudus mõlemas piirkonnas seos fülogeneetilise endeemsuse ja kaalutud endeemsuse vahel (Laity *et al.*, 2015).

Lõuna-Aafrikas Kapimaal uurisid Pio *et al.* (2014) kliimamuutuste mõju kahe väga suure taimerühma - *Proteaceae* ja *Restionaceae* -, nahkhiirte seltsi *Chiroptera* ning herbivoorsete putukate perekonna *Platypleura* fülogeneetilisele mitmekesisusele. Et hinnata liikide järgmise 70 aasta ohutaset, kaardistati praegune ja ennustati tulevane liikide ruumiline jaotus ning võrreldi uurimisala fülogeneetilist mitmekesisust juhusliku mudeliga (Pio *et al.*, 2014). Täpsemalt uuriti kliima-spetsiifilisi ohte fülogeneetilisele mitmekesisusele ning seda, kas praegune fülogeneetiline mitmekesisus on kõrgem või madalam kui juhuslik (Pio *et al.*, 2014). Tulemused olid ootamatud: nimelt ennustasid mudelid, et *Proteaceae* ja *Restionaceae*, *Chiroptera* ning *Platypleura* fülogeneetiline mitmekesisus langeb järgmise 70 aasta jooksul, kuid seda kadu ei põhjusta kliimamuutused (Pio *et al.*, 2014). Loodud mudelite põhjal oli fülogeneetilise mitmekesisuse kadu juhuslik (Pio *et al.*, 2014).

Euroopas uuriti taksonoomilist ja fülogeneetilist mitmekesisust kolmes erinevas selgroogsete rühmas: imetajatel, lindudel ja kahepaiksetel (Zupan *et al.*, 2014). Täpsemalt uuriti, kas nende rühmade taksonoomilise ja fülogeneetilise mitmekesisuse ruumiline jaotus ühilduvad (Zupan *et al.*, 2014). Uurimisalaks oli terve Euroopa ja Türgi (Zupan *et al.*, 2014). Kasutati 275 imetaja, 429 linnu ja 102 kahepaikse andmeid (Zupan *et al.*, 2014). Fülogeneetilist mitmekesisust mõõdeti indeksiga PD (Zupan *et al.*, 2014). Taksonoomilise mitmekesisuse puhul leiti seos imetajate ja kahepaiksete vahel, samas kui ei imetajate ega ka kahepaiksete taksonoomilisel mitmekesisusel polnud seost lindude taksonoomilise mitmekesisusega (Zupan *et al.*, 2014). Fülogeneetilise mitmekesisuse osas ei leitud tugevat seost imetajate ja kahepaiksete vahel ega ka lindude ja kahepaiksete ning lindude ja imetajate vahel (Zupan *et al.*, 2014). Fülogeneetiline mitmekesisus ühildus ruumiliselt kõikide taksonite vahel vaid 16,9%, imetajate ja lindude vahel 22,6%, kahepaiksete ja lindude vahel 19,1% ja kahepaiksete ja imetajate vahel 23,5% (Zupan *et al.*, 2014).

Brasiilias uuriti, kas IUCN Punase Raamatu ja Brasiilia Punase Raamatu liigid esindavad rohkem või vähem fülogeneetilist ja funktsionaalset mitmekesisust, kui on oodata juhuslikult (Hidasi-Neto *et al.*, 2013). Funktsionaalset mitmekesisust hinnati Rao ruut entroopia abil, ning fülogeneetilist mitmekesisust, PD indeksit, fülogeneesipuu okste pikkuste kokku liitmisel (Hidasi-Neto *et al.*, 2013). Veel uuriti ohukategooriate kaupa, kas ohustatud liikide hulka kuuluvad liigid esindavad rohkem või vähem fülogeneetilist ja funktsionaalset

mitmekesisust kui mitteohustatud liigid (Hidasi-Neto *et al.*, 2013). Uuringus hinnati nelja ohukategooriat (Hidasi-Neto *et al.*, 2013). Tulemuseks saadi, et ei Brasiilia ega ka IUCN Punase Raamatu liigid ei esinda juhuslikust rohkem funktsionaalset ega fülogeneetilist mitmekesisust (Hidasi-Neto *et al.*, 2013).

IUCN Punase Raamatu ohulähedased ja ohualtid liigid olid funktsionaalselt sarnasemad, kui ennustas juhuslik mudel, samas kui kõikide Brasiilia Punase Raamatu kategooriatesse lisatud liikide funktsionaalse mitmekesisus oli juhuslik (Hidasi-Neto *et al.*, 2013). Fülogeneetiliselt olid nii IUCN kui ka Brasiilia Punase Raamatu liigid lähemalt sugulased, kui oleks olnud juhuslikult eeldatav (Hidasi-Neto *et al.*, 2013). Veelgi enam - kui võrrelda IUCN, Brasiilia rahvuslikku ja piirkondlikke Punaseid Raamatuid, leiti, et enamikes piirkondades oli liikide funktsionaalne mitmekesisus võrdne juhusliku mitmekesisusega (Hidasi-Neto *et al.*, 2013).

Siiski on IUCN-i Punases Raamatus on ohulähedasse kategooriasse lisatud liigid madalama funktsionaalne ja fülogeneetilise mitmekesisusega, kui oleks juhuslik (Hidasi-Neto *et al.*, 2013). Täpsemalt on neid liike 83,3% (Hidasi-Neto *et al.*, 2013). Piirkondlike Punaste Raamatute põhjal oli ohulähedasse kategooriasse kuuluvatest liikidest madalama kui juhusliku funktsionaalse mitmekesisusega ainult 10,4% liikidest (Hidasi-Neto *et al.*, 2013). 66,7% piirkondadest, kuhu kuulusid ohualtisse kategooriasse lisatud liigid, esines madalam fülogeneetiline mitmekesisus, kui oleks juhuslik (Hidasi-Neto *et al.*, 2013). Kõrgem funktsionaalne mitmekesisus oli ainult ühes piirkonnas - Sao Paulos -, ohualtis kategoorias (Hidasi-Neto *et al.*, 2013). Kõrgem fülogeneetiline mitmekesisus oli ühes teises Sao Paulo piirkonnas ohulähedases kategoorias ning ohualtis kategoorias Rio Grande do Sul piirkonnas (Hidasi-Neto *et al.*, 2013).

Frishkoff ja teised (2014) uurisid lindude fülogeneetilist mitmekesisust indeksiga PD (inglise k. *phylogenetic diversity*) Costa Rical. Kokku leiti 487 liiki (Frishkoff *et al.*, 2014). Uuriti kolme erinevat elupaigatüüpi: looduskaitse all olevat metsa, mitmekesistatud põllumaad ja monokultuuri (Frishkoff *et al.*, 2014). Mitmekesistatud põllumaal on, võrreldes intensiivse monokultuuriga, rohkem saagitüüpe, keerulisem vegetatsiooni paigutus ning põllumaad ümbritsevad puud (Frishkoff *et al.*, 2014).

Tulemustest selgus, et lähedalt suguluses olevad linnuliigid eelistasid sarnasemaid elupaiku kui kaugelt suguluses olevad liigid (Frishkoff *et al.*, 2014). Kuigi peaaegu kõigis sugukondades oli liike, mis olid seotud kõikide elupaigatüüpidega, eelistasid mõned sugukonnad ainult ühte kindlat elupaika (Frishkoff *et al.*, 2014). Näiteks tuvid, pääsukesed, muusträstad ja tangaralased (*Thraupidae*) olid tugevalt seotud põllumaadega, samas kui järanoklased (*Trogonidae*), ahjulindlased (*Furnariidae*), sääliklased (*Parulidae*) ja tantsulindlased (*Pipridae*) olid tugevalt seotud metsaga (Frishkoff *et al.*, 2014).

Lindude fülogeneetiline mitmekesisus oli monokultuuris 40% ja mitmekesisustatud põllumaal 15% madalam kui looduskaitse all olevas metsas (Frishkoff *et al.*, 2014). Looduskaitse all olevas metsas olid liigid kaugemalt sugulased, samal ajal kui mitmekesisustatud põllumaal ja intensiivsetes monokultuurides olid liigid omavahel lähemalt sugulased, kui oleks juhuslik (Frishkoff *et al.*, 2014). Lisaks olid metsas elavad liigid evolutsiooniliselt rohkem eraldiseisvad kui mitmekesisustatud põllumaal või intensiivses monokultuuris (Frishkoff *et al.*, 2014).

Guareschi ja teised (2015) keskendusid oma uuringus mageveekogude, täpsemalt veemardikate (alamseitside *Adephaga*, *Myxophaga* ja *Polyphaga*) taksonoomilisele ja funktsionaalsele mitmekesisusele. Nii taksonoomiline kui ka funktsionaalne mitmekesisus jagati alfa, beeta ja gamma mitmekesisusteks, mis vastavad kohalikule (alfa), piirkondlikule (gamma) ja alade vahelisele (beeta) mitmekesisusele (Guareschi *et al.*, 2015). Funktsionaalse mitmekesisuse hindamiseks kasutati Gowleri indeksit (Guareschi *et al.*, 2015). Uuriti kahte erinevat kaitsealust ala: kohalikku kaitsealade võrgustikku ning Natura 2000 kaitsealade võrgustikku (Guareschi *et al.*, 2015).

Tulemusteks saadi, et suurel skaalal (terve Pürenee poolsaar) olid mõlemas kaitsealade võrgustikus nii taksonoomiline kui ka funktsionaalne alfa mitmekesisus kõrgemad kui kaitseta aladel (Guareschi *et al.*, 2015). Sarnased tulemused saadi ka väiksema (10x10 km ruudud) skaala vaatlemisel: alfa mitmekesisus oli mõlemas kaitsealade võrgustikus kõrgem kui kaitseta aladel (Guareschi *et al.*, 2015). Nii taksonoomiline kui ka funktsionaalne gamma mitmekesisus ei olnud kummalgi kaitsealal kõrgemad, kui oleks juhuslikult oodatav

(Guareschi *et al.*, 2015). Ka beeta taksonoomiline ja funktsionaalne mitmekesisus ei olnud märgatavalt kõrgemad juhuslikust (Guareschi *et al.*, 2015). Selle uuringu funktsionaalse ja taksonoomilise mitmekesisuse tulemused ühilduvad Pürenee poolsaarel varem tehtud selgroogsete ja taimede mitmekesisuste uuringutega (Guareschi *et al.*, 2015).

Brasiilias uuriti mööda 2000 km pikkust rannikut niiskes laialehises metsas taimestikuga seotud ämblike fülogeneetilise, funktsionaalse ja taksonoomilise mitmekesisuse ühildumist (Goncalves-Souza *et al.*, 2015). Lisaks uuriti, kas praegu kaitse all olevad niiske laialehise metsa alad kaitsevad efektiivselt kõiki kolme mitmekesisust (Goncalves-Souza *et al.*, 2015). Funktsionaalse mitmekesisuse määramiseks mõõdeti ämblike morfoloogilisi ja käitumuslikke tunnuseid nagu keha suurus ja mass, võrgu tüüp ja suund, toitumisrežiim ja silmade asetus (Goncalves-Souza *et al.*, 2015). Fülogeneetilise mitmekesisuse indeks oli PD (inglise k. *phylogenetic diversity*) ja funktsionaalse mitmekesisuse indeksina kasutati Goweri indeksit (Goncalves-Souza *et al.*, 2015).

Fülogeneetilise, funktsionaalse ja taksonoomilise mitmekesisuse vahel leiti nõrk ühildumine, mis tähendab, et uuritud organismi - ämblike - efektiivseks kaitsmiseks ei ole taksonoomiline mitmekesisus heaks fülogeneetilise ja funktsionaalse mitmekesisuse asendajaks (Goncalves-Souza *et al.*, 2015). Huvitav oli tulemus, et uurimisalad, kus oli palju ämblikuliike, olid madalama fülogeneetilise ja funktsionaalse mitmekesisusega (Goncalves-Souza *et al.*, 2015). Teine huvitav tulemus oli, et mitte ükski mitmekesisuse mõõt ei olnud kaitsealuses metsas märkimisväärselt kõrgem kui kaitsmata metsas (Goncalves-Souza *et al.*, 2015). Sellise tulemuse põhjal võib väita, et kaitsealune mets ei ole ämblike bioloogilise mitmekesisuse säilivuse seisukohalt efektiivne (Goncalves-Souza *et al.*, 2015). Autorid põhjendasid kaitsealuse metsa madalat fülogeneetilist ja funktsionaalset mitmekesisust tugeva antropogeense häiringuga (Goncalves-Souza *et al.*, 2015).

4 Arutelu

Käesolevas töös kogusin kirjandusest informatsiooni selle kohta, milline roll on fülogeneetilisel ja funktsionaalsel mitmekesisusel tänapäeva looduskaitstes. Täpsemalt uurisin, kuidas on jaotunud fülogeneetiline ja funktsionaalne mitmekesisus looduskaitsealadel ja looduskaitsealadest väljaspool inimhäiringuga kooslustes. Keskendusin soontaimedele, kuid tõin näiteid ka teistest organismirühmadest.

Uurides fülogeneetilist ja funktsionaalset mitmekesisust looduskaitse all olevatel aladel, selgus, et looduskaitsealasid planeerides ei saa fülogeneetilist mitmekesisust asendada taksonoomilise mitmekesisuse ehk liigirikkusega. Mitmes töös leiti, et fülogeneetilise ja taksonoomilise mitmekesisuse ruumiline jaotus on erinev. Lõuna-Aafrikas (Forest *et al.* 2007) leiti esmalt positiivne seos fülogeneetilise mitmekesisuse (mõõdeti indeksiga PD) ja liigirikkuse ruumilise jaotuse vahel, kuid jaotades ala väiksemateks osadeks, selgus, et fülogeneetiline mitmekesisus oli jaotunud liigirikkusest erinevalt. Alade väiksemaks jaotamisel leiti, et aladel on kas suurem või väiksem fülogeneetiline kui taksonoomiline mitmekesisus. Lõuna-Aafrikas (Tucker *et al.*, 2012) ühildusid samuti fülogeneetiline mitmekesisus (mõõdeti indeksiga PD) ja taksonoomiline mitmekesisus ainult juhul, kui ei arvestatud nende ruumilist jaotust. Nimelt oli taksonoomiline mitmekesisus koondunud väiksematele aladele kui fülogeneetiline. Hiinas (Li *et al.*, 2015) leiti positiivne seos fülogeneetilise mitmekesisuse (mõõdeti indeksiga PD) ja taksonoomilise mitmekesisuse vahel, kuid võrreldes koosluse fülogeneetilist struktuuri nullmudeliga, leiti, et enamikes kooslustes olid liigid fülogeneetiliselt klasterdunud. Sellest järeldavad nii Li *et al.* (2015), Forest *et al.* (2007) kui ka Tucker *et al.* (2012), et lisaks taksonoomilisele ja fülogeneetilisele mitmekesisusele tuleks looduskaitsealade planeerimisel arvestada ka koosluste fülogeneetilist struktuuri.

Märkimisväärne on, et funktsionaalset mitmekesisust ei ole looduskaitsealadel uuritud. Siiani on kasutatud fülogeneetilist mitmekesisust funktsionaalse mitmekesisuse asendamiseks looduskaitsealade planeerimisel, kuid selle efektiivsus on tõestamata. Funktsionaalse mitmekesisuse uurimine looduskaitsealadel on väga tähtis, et välja selgitada, kas funktsionaalne mitmekesisus on iseseisva mõõdikuna oluline looduskaitsealade

planeerimisel või saab seda asendada taksonoomilise või fülogeneetilise mitmekesisusega.

Antropogeense häiringuga aladel ei muuda maakasutuse muutus mitte lihtsalt liigirikkust vaid ka fülogeneetilist ja funktsionaalset mitmekesisust ning liikide vahelisi koevolutsioonilisi interaktsioone. Negatiivne seos antropogeensete häiringute ja fülogeneetilise mitmekesisuse (mõõdeti MPD indeksiga) vahel leiti Brasiilias (Santos *et al.*, 2010), Yukatani poolsaarel (Munguia-Rosas *et al.*, 2014). Uus-Meremaal (Peralata *et al.*, 2014) leiti negatiivne seos fülogeneetilise mitmekesisuse (mõõdeti indeksitega PSV ja PSE) ja taksonoomilise mitmekesisuse vahel. Negatiivset seost antropogeensete häiringute ja funktsionaalse mitmekesisuse (mõõdeti Rao ruut entroopia indeksiga) vahel täheldati Yukatani poolsaarel (Munguia-Rosas *et al.*, 2014). Sellised muutused on ökosüsteemi toimimise ja stabiilsuse indikaatorid ning võivad muuta erinevate troofiliste tasemete võimekust muutustega kohanemisel (Peralata *et al.*, 2014). Metsa fragmenteerumise mõju fülogeneetilisele ja funktsionaalsele mitmekesisusele ei leitud Mehhikost (Arroyo-Rodriguez *et al.*, 2012), mõju avaldumise puudumist selgitasid autorid liiga lühikese fragmenteerumise ajaga. USA-s (Barber *et al.*, 2016) leiti, et antropogeensete häiringutega rohumaa ei vähenda suurem fülogeneetiline mitmekesisus (uuriti indeksitega MPD ja MNTD) invasiivsete liikide sissetungi, kuid täheldati, et aja jooksul kasvab invasiivsete liikide osakaal koosluses. Huvitav tulemus oli ka, et USA-s (Barber *et al.*, 2016) antropogeense häiringuga rohumaa taastamise käigus vähenes ajapikku taksonoomiline mitmekesisus, aga fülogeneetiline mitmekesisus (uuriti indeksitega MPD ja MNTD) ei vähenenud.

Muude organismirühmade fülogeneetilist ja funktsionaalset mitmekesisust uurides sai selgeks, et ühe taksoni fülogeneetilise mitmekesisuse ruumilise jaotuse tulemused ei esinda teiste rühmade fülogeneetilise mitmekesisuse jaotust. Austraalias (Laity *et al.*, 2015) leiti, et taimi ei saa kasutada loomade fülogeneetilise mitmekesisuse (indeks PD) hindamise asendamiseks ning loomi taimede jaoks samuti mitte. Euroopas ja Türgis leidsid Zupan *et al.* (2014), et omavahel ei ühildunud ei lindude ja kahepaiksete, lindude ja imetajate ega ka imetajate ja kahepaiksete fülogeneetiline mitmekesisus (indeks PD). Veelgi enam, omavahel ei ühildu ruumilise jaotuse poolest taksonoomiline ja fülogeneetiline ega ka taksonoomiline ja funktsionaalne mitmekesisus. Negatiivne seos taksonoomilise ja fülogeneetilise (indeks PD) mitmekesisuse ruumilise jaotuse vahel oli Brasiilias (Goncalves-Souza *et al.*, 2015) ja

Austraalias (Laity *et al.*, 2015). Negatiivne seos taksonoomilise ja funktsionaalse (mõõdeti Goweri indeksiga) mitmekesisuse vahel oli Brasiilias (Goncalves-Souza *et al.*, 2015). Lisaks leiti, et Pürenee poolsaare (Guareschi *et al.*, 2015) aladel, mis on kaitse all, oli suurem funktsionaalne mitmekesisus (mõõdeti Goweri indeksiga) kui kaitsemata aladel. Costa Rical (Frishkoff *et al.*, 2014) leiti, et kaitsealustel aladel on suurem fülogeneetiline mitmekesisus (indeks PD) kui kaitsemata aladel. Kuid IUCN-i Punases Raamatus ning Brasiilia kohalikes Punastes Raamatutes olevatel kaitsealadel ei ole kõrgem funktsionaalne (mõõdeti Goweri indeksiga) ega fülogeneetiline mitmekesisus (indeks PD), kui oleks juhuslik, mis viitab sellele, et sealsed kaitsealad ei ole kõige efektiivsemad, kui eesmärgiks on funktsionaalse ja fülogeneetilise elurikkuse kaitse (Hidasi-Neto *et al.*, 2013).

Tehtud uurimuste põhjal võib öelda, et looduskaitse all olevatel aladel ühildub taksonoomiline ja fülogeneetiline mitmekesisus suures plaanis, kuid põhjalikumalt uurides ei kattu suure fülogeneetilise mitmekesisusega alad suure liigirikkusega aladega. Seetõttu ei saa looduskaitsealasid planeerides asendada fülogeneetilist mitmekesisust taksonoomilise mitmekesisusega. Funktsionaalne mitmekesisus on looduskaitsealadel veel põhjalikult uurimata, mistõttu selle kohta järeldusi teha ei saa. Antropogeensete häiringutega aladel ei kattu omavahel taksonoomiline ja fülogeneetiline mitmekesisus ega ka taksonoomiline ja funktsionaalne mitmekesisus. Seetõttu peaks antropogeensete häiringutega aladel pöörama rohkem tähelepanu fülogeneetilisele ja funktsionaalsele mitmekesisusele. Kuid huvitavalt näidati ühes uuringus (Barber *et al.*, 2016), et antropogeensete häiringutega alade taastamisel kasutatud suurema fülogeneetilise mitmekesisusega seemnesegu kasutamine ei taga tulevikus suuremat fülogeneetilist mitmekesisust ega ka paremat kaitset invasiivsete liikide eest. Selline tulemus viitab fülogeneetilise mitmekesisuse piiratud tähtsusele koosluste taastamisel. Teiste organismirühmade fülogeneetilise mitmekesisuse ruumiline jaotus, sarnaselt taimedele, ei ühildu taksonoomilise mitmekesisusega. Samuti ei ühildu omavahel erinevate organismirühmade suure fülogeneetilise ja taksonoomilise ning suure funktsionaalse ja taksonoomilise mitmekesisusega alad, tänu millele saab järeldada, et ka teiste organismirühmade suure fülogeneetilise, funktsionaalse ja taksonoomilise mitmekesisega alad ei ühildu.

Üldiselt võib järeldada, et fülogeneetilist mitmekesisust peaks, lisaks taksonoomilisele mitmekesisusele, arvestama veel ühe komponendina looduskaitsealade planeerimisel.

Mitmetes uurimustes on selgelt välja tulnud, et looduskaitsealade efektiivseks planeerimiseks ei saa fülogeneetilist mitmekesisust asendada taksonoomilise mitmekesisusega ega ühte taksonit kasutada teiste taksonite esindamiseks. Seetõttu ei saa looduskaitsealade efektiivsel planeerimisel kasutada ka ühe taksoni fülogeneetilist ega funktsionaalset mitmekesisust teiste taksonite fülogeneetilise või funktsionaalse mitmekesisuse kaitseks. Eriti oluline näib olevat funktsionaalse mitmekesisuse edasine uurimine looduskaitsealadel, et mõista ja planeerida funktsionaalse mitmekesisuse rolli bioloogilise mitmekesisuse kujundajana.

Tänuavaldus

Tänan oma juhendajat Pille Gerholdi, kes juhatas mind selle põneva teema juurde ja kelle abivalmidus ja kannatlikkus olid suureks abiks töö valmimisel.

Kirjandus

- Arroyo-Rodríguez, V., Cavender-Bares, J., Escobar, F., Melo, F. P. L., Tabarelli, M., & Santos, B. a. (2012). Maintenance of tree phylogenetic diversity in a highly fragmented rain forest.. *Journal of Ecology*, 100(3), 702–711.
- Barak, R. S., Hipp, A. L., Cavender-Bares, J., Pearse, W. D., Hotchkiss, S. C., Lynch, E. A., ... & Larkin, D. J. (2016). Taking the Long View: Integrating Recorded, Archeological, Paleoecological, and Evolutionary Data into Ecological Restoration. . *International Journal of Plant Sciences*, 177(1), 90-102.
- Barber, N. A., Jones, H. P., Duvall, M. R., Wysocki, W. P., Hansen, M. J., & Gibson, D. J. (2016). Phylogenetic diversity is maintained despite richness losses over time in restored tallgrass prairie plant communities. *Journal of Applied Ecology*.
- Bennett, J. R., Elliott, G., Mellish, B., Joseph, L. N., Tulloch, A. I. T., Probert, W. J. M., ... Maloney, R. (2014). Balancing phylogenetic diversity and species numbers in conservation prioritization, using a case study of threatened species in New Zealand. *Biological Conservation*, 174, 47–54.
- Faith, D. P. (1992). Conservation evaluation and phylogenetic diversity. *Biological Conservation*, 61(1), 1–10.
- Forest, F., Grenyer, R., Rouget, M., Davies, T. J., Cowling, R. M., Faith, D. P., ... & Reeves, G. (2007). Preserving the evolutionary potential of floras in biodiversity hotspots. *Nature*, 445(7129), 757-760.
- Frishkoff, L. O., Karp, D. S., M’Gonigle, L. K., Mendenhall, C. D., Zook, J., Kremen, C., ... & Daily, G. C. (2014). Loss of avian phylogenetic diversity in neotropical agricultural systems. *Science*, 345(6202), 1343-1346.

- Gerhold, P., Cahill, J. F., Winter, M., Bartish, I. V., & Prinzing, A. (2015). Phylogenetic patterns are not proxies of community assembly mechanisms (they are far better). *Functional Ecology*, 29(5), 600-614.
- Gerhold, P., Cahill, J. F., Winter, M., Bartish, I. V., & Prinzing, A. (2015). Phylogenetic patterns are not proxies of community assembly mechanisms (they are far better). *Functional Ecology*, 29(5), 600-614.
- Gonçalves-Souza, T., Santos, A. J., Romero, G. Q., & Lewinsohn, T. M. (2015). Conservation along a hotspot rim: spiders in Brazilian coastal restingas. *Biodiversity and Conservation*, 24(5), 1131-1146.
- Guareschi, S., Bilton, D. T., Velasco, J., Millán, A., & Abellán, P. (2015). How well do protected area networks support taxonomic and functional diversity in non-target taxa? The case of Iberian freshwaters. *Biological Conservation*, 187, 134-144.
- Hidasi-Neto, J., Loyola, R. D., & Cianciaruso, M. V. (2013). Conservation actions based on Red Lists do not capture the functional and phylogenetic diversity of birds in Brazil. *PLoS One*, 8(9), e73431.
- Huang, D., Goldberg, E. E., & Roy, K. (2015). Fossils, phylogenies, and the challenge of preserving evolutionary history in the face of anthropogenic extinctions. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112(16), 4909–4914.
- Laity, T., Laffan, S. W., González-Orozco, C. E., Faith, D. P., Rosauer, D. F., Byrne, M., ... & Newport, K. (2015). Phylodiversity to inform conservation policy: An Australian example. *Science of The Total Environment*, 534, 131-143.
- Li, R., Kraft, N. J. B., Yu, H., & Li, H. (2015). Seed plant phylogenetic diversity and species richness in conservation planning within a global biodiversity hotspot in eastern Asia., *Conservation Biology*, 29(6)29(6), 1552–1562.
- Munguía-Rosas, M. A., Jurado-Dzib, S. G., Mezeta-Cob, C. R., Montiel, S., Rojas, A., & Pech-Canché, J. M. (2014). Continuous forest has greater taxonomic, functional and

- phylogenetic plant diversity than an adjacent naturally fragmented forest. *Journal of Tropical Ecology*, 30(04), 323–333.
- Murcia, C. (1995). Edge effects in fragmented forests: implications for conservation. *Trends in Ecology & Evolution*, 10(2), 58–62.
- Pavoine, S., & Bonsall, M. B. (2011). Measuring biodiversity to explain community assembly: a unified approach. *Biological Reviews*, 86(4), 792–812.
- Peralta, G., Frost, C. M., Didham, R. K., Varsani, A., & Tylianakis, J. M. (2015). Phylogenetic diversity and co-evolutionary signals among trophic levels change across a habitat edge. *Journal of Animal Ecology*, 84(2), 364–372.
- Petchey, O. L., & Gaston, K. J. (2006). Functional diversity: back to basics and looking forward. *Ecology letters*, 9(6), 741–758.
- Pio, D. V., Engler, R., Linder, H. P., Monadjem, A., Cotterill, F. P., Taylor, P. J., ... & Salamin, N. (2014). Climate change effects on animal and plant phylogenetic diversity in southern Africa. *Global Change Biology*, 20(5), 1538–1549.
- Rosauer, D. F., & Mooers, A. O. (2013). Nurturing the use of evolutionary diversity in nature conservation. *Trends in ecology & evolution*, 28(6), 322–323.
- Santos, B. a, Arroyo-Rodríguez, V., Moreno, C. E., & Tabarelli, M. (2010). Edge-related loss of tree phylogenetic diversity in the severely fragmented Brazilian Atlantic forest. *PloS One*, 5(9), e12625.
- Schleuter, D., Daufresne, M., Massol, F., & Argillier, C. (2010). A user's guide to functional diversity indices. *Ecological Monographs*, 80(3), 469–484.
- Sobral, F. L., Jardim, L., Lemes, P., Machado, N., Loyola, R., & Cianciaruso, M. V. (2014). Spatial conservation priorities for top predators reveal mismatches among taxonomic, phylogenetic and functional diversity. *Natureza & Conservação*, 12(2), 150–155.

- Srivastava, D. S., Cadotte, M. W., MacDonald, A. A. M., Marushia, R. G., & Mirotchnick, N. (2012). Phylogenetic diversity and the functioning of ecosystems. *Ecology Letters*, 15(7), 637-648.
- Zupan, L., Cabeza, M., Maiorano, L., Roquet, C., Devictor, V., Lavergne, S., ... Thuiller, W. (2014). Spatial mismatch of phylogenetic diversity across three vertebrate groups and protected areas in Europe. *Diversity & Distributions*, 20(6), 674–685.
- Tilman, D. (2001). Functional diversity. *Encyclopedia of biodiversity*, 3(1), 109-120.
- Tucker, C. M., Cadotte, M. W., Carvalho, S. B., Davies, T. J., Ferrier, S., Fritz, S. A., ... & Pavoine, S. (2016). A guide to phylogenetic metrics for conservation, community ecology and macroecology. *Biological reviews of the Cambridge Philosophical Society*.
- Tucker, C. M., Cadotte, M. W., Davies, T. J., & Rebelo, T. G. (2012). Incorporating Geographical and Evolutionary Rarity into Conservation Prioritization\ Incorporación de la Rareza Geográfica y Evolutiva en la Priorización de la Conservación. *Conservation Biology*, 26(4), 593–601.
- Vane-Wright, R. I., Humphries, C. J., & Williams, P. H. (1991). What to Protect - Systematics and the Agony of Choice. *Biological Conservation*, 55(3), 235–254.
- Winter, M., Devictor, V., & Schweiger, O. (2013). Phylogenetic diversity and nature conservation: where are we? *Trends in Ecology & Evolution*, 28, 199–204.

Lihtlitsents lõputöö reprodutseerimiseks ja lõputöö üldsusele kättesaadavaks tegemiseks

Mina Marianne Laissaar

(sünnikuupäev: 29.06.1994)

1. annan Tartu Ülikoolile tasuta loa (lihtlitsentsi) enda loodud teose Soontaimede fülogeneetiline ja funktsionaalne mitmekesisus looduskaitstes,

mille juhendaja on Pille Gerhold,

1.1. reprodutseerimiseks säilitamise ja üldsusele kättesaadavaks tegemise eesmärgil, sealhulgas digitaalarhiivi DSpace-is lisamise eesmärgil kuni autoriõiguse kehtivuse tähtaja lõppemiseni;

1.2. üldsusele kättesaadavaks tegemiseks Tartu Ülikooli veebikeskkonna kaudu, sealhulgas digitaalarhiivi DSpace'i kaudu kuni autoriõiguse kehtivuse tähtaja lõppemiseni.

2. olen teadlik, et punktis 1 nimetatud õigused jäävad alles ka autorile.

3. kinnitan, et lihtlitsentsi andmisega ei rikuta teiste isikute intellektuaalomandi ega isikuandmete kaitse seadusest tulenevaid õigusi.

Tartus 19.05.2016